

## IDENTIFICATION

**Species:** *Helianthus annuus*

**Locus:** HanXRQChr12g0378641

**Gene Model:** HanXRQChr12g0378641

**Description:** HanEXPA-22

**Family:** Alpha Expansin

**3D structure:**



## GENOME DATABASES

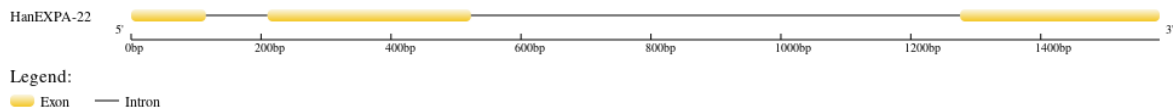
Phytozome: [https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus\\_r1\\_2](https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/Hannuus_r1_2)

KEGG: <https://www.genome.jp/entry/T05101>

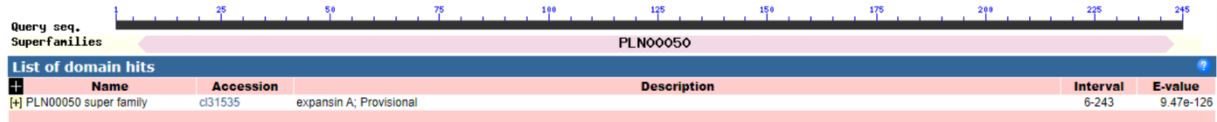
## EXTERNAL RESOURCES

<https://www.heliagene.org/>

## GENE STRUCTURE



## DOMAIN ARCHITECTURE



## SEQUENCES

### Peptide

>HanEXPA-22

MKSIVIFIFSSLLLVSFPLIVNGGWLNAHATFYDDGTVGGACGYGNVYRQGYGTNNV  
ALSSALFNDGLSCGACFQIVCVNDRQWCLPGSIVVTATNFCPPNPALPSEKGGWCNPP  
LRHFDLSQPAFLRIAQYKAGIVPVAYRRVPCVRRGGIRFQMNGHPYFNLVLTNVGG  
AGDVHAVAIAKGSRTGWQQMKQNWGQNWQSDTYFIGQSLSFKVTTSDGRTVVSNNV  
VPANWSFGQTFSGSQFR\*

### CDS (coding sequence)

>HanEXPA-22

ATGAAATCCATTGTTATTTTCATTTTCTCTAGTTTATTGCTTGTTAGTTTTCCGTTA  
ATCGTTAACGGCGGTTGGCTCAATGCACATGCCACCTTCTACGACGACGGCACAG  
TGGGTGGTGCTTGTGGGTATGGGAATGTGTATCGTCAAGGGTATGGTACAAACAA  
TGTAGCATTAAAGTAGTGCTTTGTTCAACGATGGTTTGAGTTGTGGGGCATGTTTTT  
AAATCGTGTGTGTTAATGATCGTCAATGGTGTTTACCGGGTCCATTGTTGTCACC  
GCCACCAACTTCTGCCCACCGAACCCCGCCTTACCTAGCGAGAAAGGCGGCTGGT  
GCAACCCTCCTCTACGTCATTTTGTCTATCTCAACCTGCCTTCTACGCATTGCT  
CAGTACAAAGCTGGAATTGTTCCCTGTTGCTTATAGAAGGGTACCCTGCGTGAGAA  
GGGGTGGAAATTAGGTTCCAAATGAACGGACACCCTACTTCAATTTGGTGTTAAT  
TACAAATGTGGGTGGTGTGCTGGTGACGTGCACGCAGTGGCAATCAAAGGGTCAAG  
AACAGGATGGCAACAAATGAAACAAAACCTGGGGGCAAACTGGCAATCCGACAC  
TTATTTTATTGGGCAGTCTCTATCTTTTAAGGTCACCACAAGTGATGGTCGGACTG  
TGGTTTCCAACAATGTTGTCCCCGCTAATTGGTCTTTCGGGCAGACCTTCAGCGGT  
TCCAATTTTCGTTGA

### Nucleotide

>HanEXPA-22

ATGAAATCCATTGTTATTTTCATTTTCTCTAGTTTATTGCTTGTTAGTTTTCCGTTA  
ATCGTTAACGGCGGTTGGCTCAATGCACATGCCACCTTCTACGACGACGGCACAG  
TGGGTATGCAGTACTGATCATAATTATCTCAAATTTGTTGTGTTGTTTATTATTA  
TTTTTTTAAAACGGTAACTCACACTCTGTATGTATAACAGGTGGTGCTTGTGGG  
TATGGGAATGTGTATCGTCAAGGGTATGGTACAAACAATGTAGCATTAAAGTAGTG  
CTTTGTTCAACGATGGTTTGAGTTGTGGGGCATGTTTTCAAATCGTGTGTGTTAAT

GATCGTCAATGGTGTTTACCGGGTTCATTGTTGTCACCGCCACCAACTTCTGCCC  
ACCGAACCCCGCCTTACCTAGCGAGAAAGGCGGCTGGTGCAACCCTCCTCTACGT  
CATTTTGATCTATCTCAACCTGCCTTCCTACGCATTGCTCAGTACAAAGCTGGAAT  
TGTTCTGTGGCTTATAGAAGGTATATAAATTATTAATTTTCATGAGATGCCTTCA  
CACATCGTGGGTGTTTTGGTAAATTTACAAGCATTGTCTTGAAAAGTTATTTTGA  
TACTTTTGAAAGTATTAATGTACTTTAGAAATTTTACAATTACTAAATGTATTTT  
GGTAATCTACTTAAAATACCAACATATTTTACAAAAGATTATCAGACAGAATGC  
GTAGTGAACCGTCTCTAAATGAATCACGTACTTAGTGATCAGTCGTGAACCGTGA  
CAAAAGTTTTTTTATATCTACTTATTTAATAAAGAAACGAATATGAACAAGATAT  
TTGTCTACTTAATTAATTAATAAAGAAACGAATATGAACAAGAAGTTTTTTTAT  
ATATACTTAGAAACTTTTGTATTATGCATCACTTGTTTCTTAATCATGCGATGATAT  
TGGTATTTAGATTTTCATTTATATATTGTAGTTTACTTTTCATTTACATGTG  
TTATAACAAATATGATTGAACACAACTAGAACAAACAAAGTTTGATTCTTTAAA  
GCTTGTGTTAATATTTAATTTTTTCGTTAATTCATCTCAATAAAGTACCAAAAT  
GACAAATTA AAAACAAATGACAGGTAAACATGAAACAAGTTGCACCGTAAAAAT  
ATGCTCTTTTTTGCATGCTCTTTTTCTCCAATTTGTTTACATGCCTAAACATTG  
CAATCTAATACCAAACTATTTTAGTAATATTTTTTGTCTTGTCTTCTAGGGTACC  
CTGCGTGAGAAGGGGTGGAATTAGGTTCCAAATGAACGGACACCCCTACTTCAAT  
TTGGTGTTAATTACAAATGTGGGTGGTGCTGGTGACGTGCACGCAGTGGAATCA  
AAGGGTCAAGAACAGGATGGCAACAAATGAAACAAAACCTGGGGGCAAACTGG  
CAATCCGACACTTATTTTATTGGGCAGTCTCTATCTTTTAAGGTCACCACAAGTGA  
TGGTCGGACTGTGGTTTCCAACAATGTTGTCCCCGCTAATTGGTCTTTCGGGCAGA  
CCTTCAGCGGTTCCCAATTTTCGTTGA